

**CIRAD**  
**ATP 96/21**

**SÉMINAIRE GESTION RAISONNÉE DES RÉSISTANCES**  
**DES PLANTES AUX PATHOGÈNES**

---

**MONTPELLIER 11-12 SEPTEMBRE 1997**

---

**DIVERSITE GENETIQUE DES POPULATIONS DE**  
***XANTHOMONAS ALBILINEANS***  
**(AGENT CAUSAL DE L'ECHAUDURE DES**  
**FEUILLES DE LA CANNE A SUCRE),**  
**CONSEQUENCE POUR LA GESTION DES RESISTANCES**

**P. ROTT**

**SYMPTOMES DE L'ECHAUDURE DES FEUILLES**  
**(diapos)**

Table 3. Serological reaction of 215 strains of *Xanthomonas albilineans*

Location	Number of strains of <i>X. albilineans</i>	Serovar
Australia	7	I
Barbados	4	I
Belize	4	I
Brazil	3	I
Dominican Republic	39	I
Florida	58	I
Guadeloupe	41	I
Guyana	2	I
Hawaii	1	I
India	1	I
Japan	3	I
Madagascar	4	I
Mauritius	8	I
Martinique	2	I
Réunion	4	I
Saint Kitts	3	I
Saint Lucia	1	I
South Africa	2	I
Taiwan	2	I
Burkina faso	4	II
Cameroon	5	II
Ivory Coast	5	II
Kenya	1	II
Malawi	1	II
Zaire	1	II
Zimbabwe	3	II
Fiji	2	III
Guadeloupe	1	III
Martinique	1	III
Saint Kitts	1	III
Sri Lanka	1	III

**FIN DES ANNEES 1980 :**

**RECRUDESCENCE DE L'ECHAUDURE DES FEUILLES**

**DANS PLUSIEURS ZONES DE PRODUCTION**

**DE CANNE A SUCRE, NOTAMMENT EN FLORIDE**

**CONSEQUENCE :**

**ANALYSE DE LA STRUCTURE GENETIQUE DES**

**POPULATIONS DE XA ORIGINAIRES DE FLORIDE ET**

**D'AUTRES ZONES GEOGRAPHIQUES DANS LE MONDE**

**METHODE UTILISEE :**

**ELECTROPHORESE EN CHAMP PULSE**

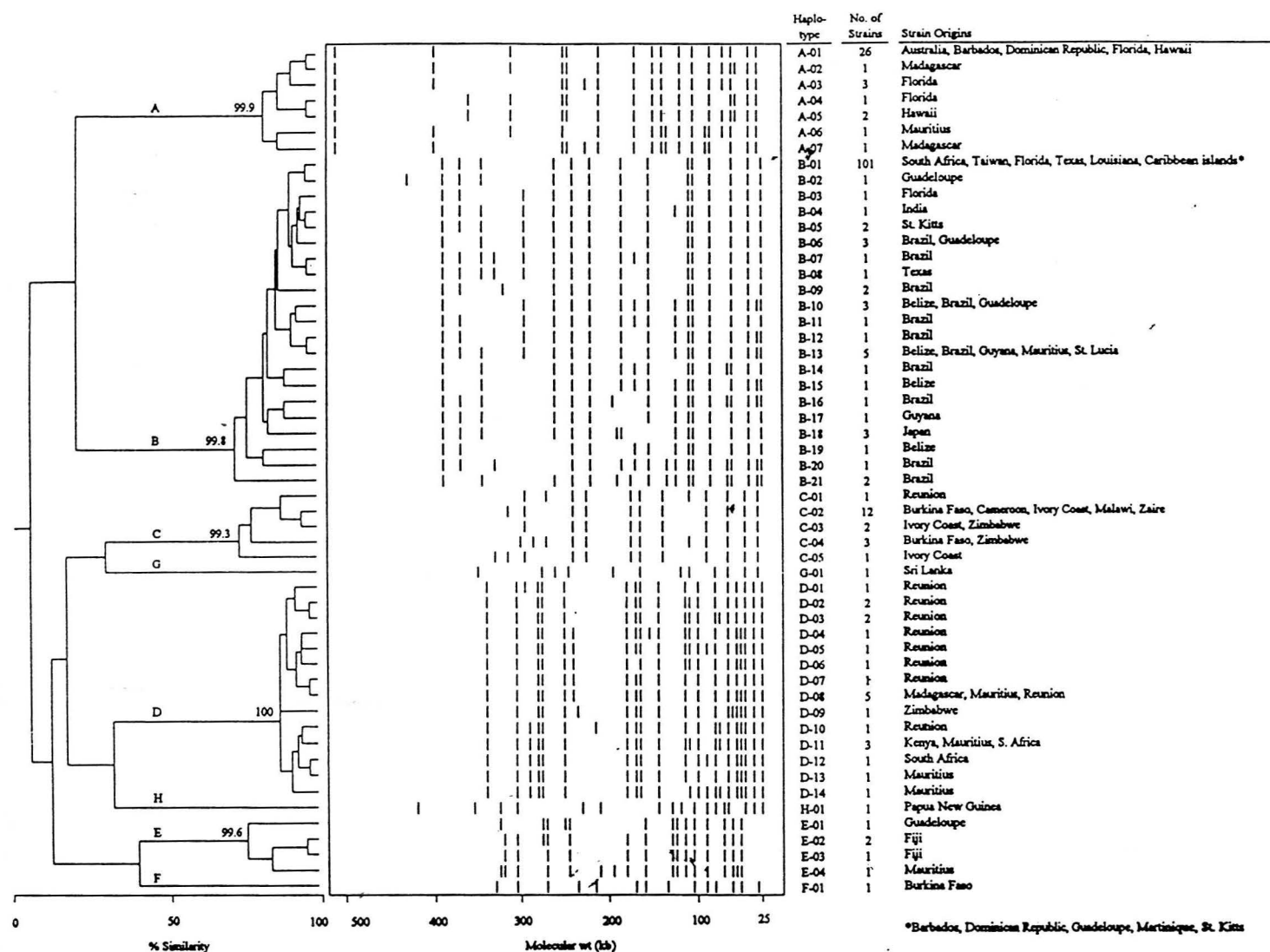


Fig. 1. Similarity among 54 haplotypes of *Xanthomonas albilineans*. Each haplotype represents a unique DNA banding pattern. Genomic DNA of 218 strains from 31 geographic locations was digested with *SpeI*, and large DNA fragments were separated by pulsed-field gel electrophoresis (PFGE). The dendrogram showing the relationship among haplotypes was derived by cluster analysis of distances between haplotypes using the unweighted pair group method with arithmetic means (UPGMA). Eight clusters were resolved at the 0.75 similarity level. The clusters were designated PFGE groups A to H, as indicated on the branches leading to each cluster. Bootstrap *P* values are indicated at the corresponding node for each cluster.

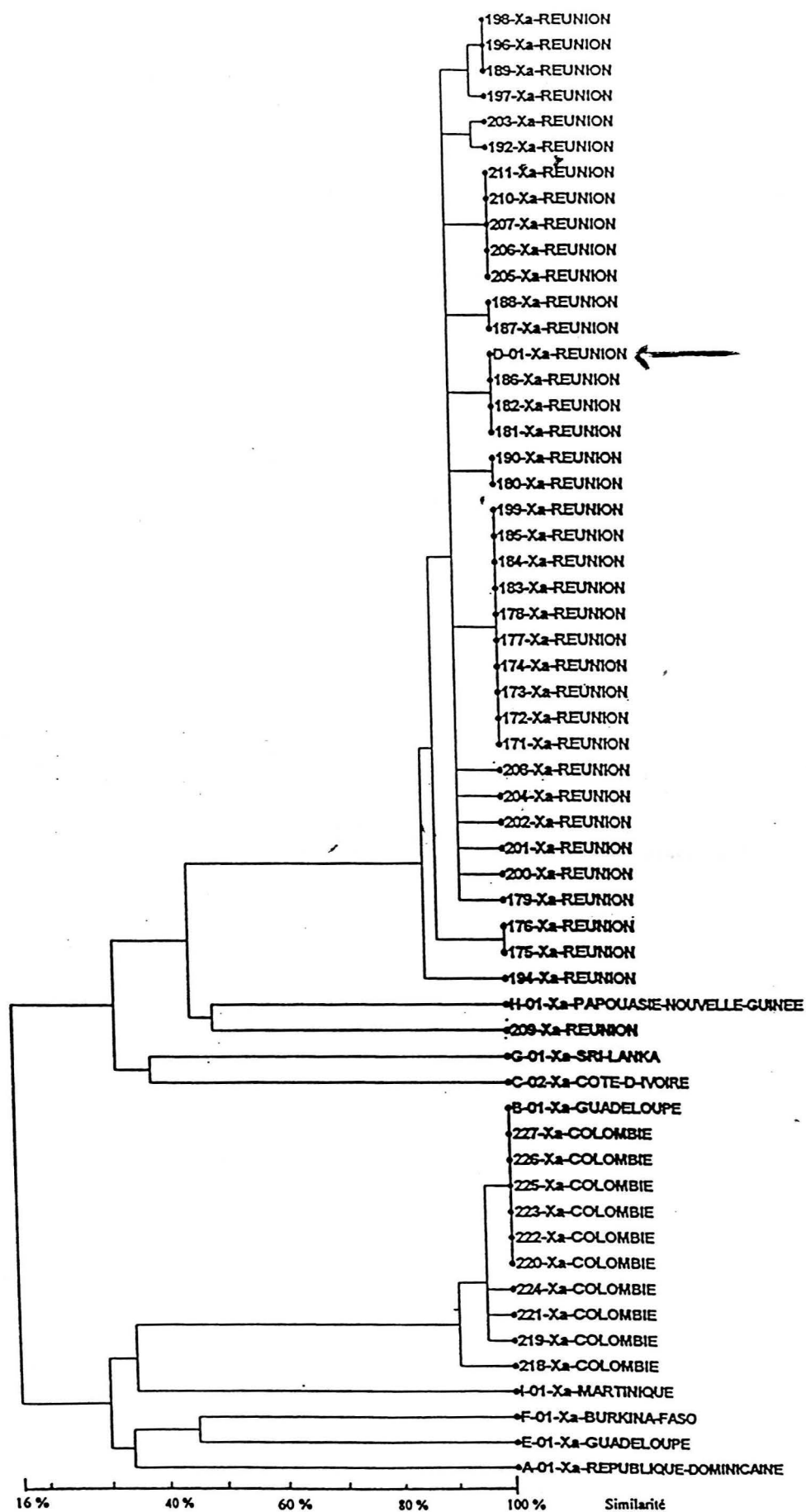


Figure 14 : Dendrogramme des 57 souches de *Xanthomonas albilineans* étudiées.

**VARIABILITE SEROLOGIQUE, GENETIQUE ET DU POUVOIR PATHOGENE  
DE 7 SOUCHES DE *XANTHOMONAS ALBILINEANS***

Souche Xa	Origine	Sérovar	Haplotype	Pathogénie (Symptômes et colonisation)
DOM97SR	Rép. Dominicaine	1	A1	+
DOM96SR	Rép. Dominicaine	1	B1	++
GPE5SR	Guadeloupe	1	B1	+++
KNA93SR	Saint Kitts	1	B5	++
CIV40SR	Côte d'Ivoire	2	C2	+++
HV5SR	Burkina Faso	2	F1	+
MTQ58SR	Martinique	3	I1	+

Pas de corrélation simple ou évidente entre les différents types de variation,  
mais problème :

haplotype = différenciation "fine" et pathogénie = différenciation "grossière"



## TRAVAUX FUTURS

- ⇒ Poursuite de l'étude de la diversité génétique de *Xa*
  - ✓ électrophorèse en champ pulsé
  - ✓ autres techniques RFLP (sondes,...)
- ⇒ Poursuite de l'étude de la variation du pouvoir pathogène de *Xa*
  - ✓ à Montpellier (souches internationales)
  - ✓ à la Réunion (souches locales)

## PERSPECTIVES

- ⇒ mise en évidence de marqueurs moléculaires pour l'identification des pathotypes de *Xa*, ou pour l'étude de la structure des populations de *Xa* [introduction d'une nouvelle souche (groupe génétique ou haplotype) = épidémie ?]

## DIVERSITE GENETIQUE DE *XA* ET CONSEQUENCE POUR LA GESTION DES RESISTANCES

- ⇒ identification des souches de *Xa* les plus pathogènes pour le criblage de variétés de canne à sucre résistantes à la maladie
- ⇒ recherche de marqueurs génétiques de résistance à l'échaudure des feuilles utilisables en sélection de la canne à sucre ("Bulk Segregant Analysis" : modèle = la rouille de la canne à sucre)